

B6



Europäisches Patentamt
European Patent Office
Office européen des brevets

(11) Veröffentlichungsnummer:

**0 375 889
A2**

(12)

EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG

(21) Anmeldenummer: 89120459.6

(22) Anmeldetag: 06.11.89

(51) Int. Cl.⁵: **C12N 15/10, C12P 19/34,
C12N 15/77, C12N 1/20,
///(C12N1/20,C12R1:19,1:13,
1:15)**

(30) Priorität: 09.12.88 DE 3841454

(43) Veröffentlichungstag der Anmeldung:
04.07.90 Patentblatt 90/27

(84) Benannte Vertragsstaaten:
BE DE FR GB IT

(71) Anmelder: **Degussa Aktiengesellschaft**
Weissfrauenstrasse 9
D-6000 Frankfurt am Main 1(DE)

(72) Erfinder: **Kassing, Friedrich**
Körnerstrasse 4
D-4830 Gütersloh(DE)
Erfinder: **Kalinowski, Jörn**
Drögestrasse 25
D-4800 Bielefeld 1(DE)
Erfinder: **Arnold, Walter**
Am Gottesberg 25
D-4800 Bielefeld 1(DE)
Erfinder: **Winterfeld, Andrea**
Rehrbrinkstrasse 5 F
D-3013 Barsinghausen 1(DE)
Erfinder: **Pühler, Alfred, Prof.**
Am Waldschlösschen 2
D-4800 Bielefeld 15(DE)
Erfinder: **Kautz, Petra-Sabine**
Grafenhelder Strasse 54
D-4800 Bielefeld 16(DE)
Erfinder: **Thierbach, Georg, Dr.**
Gunststrasse 21
D-4800 Bielefeld 1(DE)

(54) Verfahren zur ortsspezifischen Mutagenese von DNA und Entwicklung von Plasmidvektoren.

(57) Die Erfindung betrifft ein neues Verfahren zur ortsspezifischen Mutagenese von DNA an den Restriktions-schnittstellen unter Verwendung von Hydroxylamin und die Konstruktion von Plasmidvektoren mit klonierten Resistenzgenen aus C.xerosis und durch das neue Verfahren mutierten Plasmiden, die singuläre Restriktions-schnittstellen besitzen:

EP 0 375 889 A2

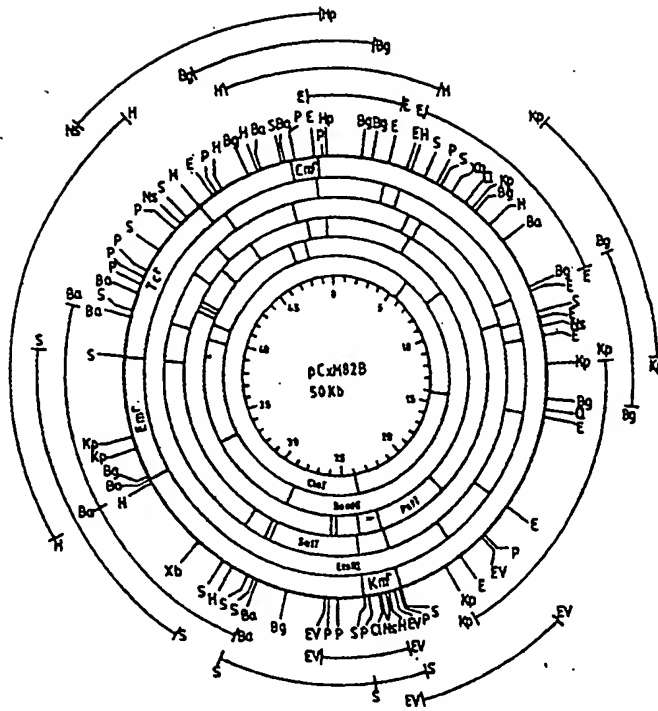


Abbildung 1b

Verfahren zur ortsspezifischen Mutagenese von DNA und Entwicklung von Plasmidvektoren

Die Erfindung betrifft ein Verfahren zur ortsspezifischen Mutagenese von DNA und die Entwicklung von Plasmidvektoren.

Corynebacterium glutamicum, *Brevibacterium flavum* und verwandte Stämme bzw. von diesen abgeleitete Mutanten sind bekannte Organismen, mit deren Hilfe L-Aminosäuren, wie z.B. Lysin und Threonin fermentativ hergestellt werden.

Für die gentechnische Stammverbesserung sind Plasmidvektoren essentielle Voraussetzung. Die Konstruktion von Plasmidvektoren für *Corynebacterium* bzw. *Brevibacterium* beruht im allgemeinen auf kryptischen Plasmiden, die in dieser Gruppe von Bakterien gefunden werden können. Beispielhaft seien genannt das Plasmid pCG1 aus *Corynebacterium glutamicum* ATCC31808 (US-PS 4,617,267), das Plasmid pAM330 aus *Brevibacterium lactofermentum* ATCC 13869 (EP-A- 0 093611) und das Plasmid pHM1519 aus *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13058 (Miwa et al. 1984). Die Plasmidvektoren enthalten weiterhin mindestens eine DNA-Region, die dem Wirt Resistenz gegen ein Antibiotikum vermittelt. Beispielhaft seien genannt das Kanamycin-Resistenzgen des Transposons Tn5 (Santamaria et al. 1984), das Kanamycin-Resistenzgen des Plasmids pUB110 aus *Staphylococcus aureus* (EP-A- 0 093611), das Hygromycin-Resistenzgen aus *Streptomyces hygrosopicus* (Santamaria et al. 1987) und das Chloramphenicol-Resistenzgen aus *Streptomyces acrimycini* (Santamaria et al. 1987).

Plasmidvektoren für *Corynebacterium* und *Brevibacterium* können dazu benutzt werden, Gene der Biosynthese von Aminosäuren zu klonieren, das entsprechende Genprodukt bzw. Enzym in einem gesteigerten Maß zu exprimieren und dadurch die Aminosäuren-Ausscheidung zu verbessern. Beispielhaft seien genannt die Verbesserung der Ausscheidung von L-Lysin durch *Corynebacterium glutamicum* durch Klonierung und Überexpression des Phosphoenolpyruvat-Carboxylase-Gens von *Corynebacterium glutamicum* (Britisch Patentanmeldung 8821319.4).

Plasmidvektoren sind aus mehreren DNA-Regionen zusammengesetzt. Eine DNA-Region ermöglicht dem Plasmid die Replikation im entsprechenden Wirtsorganismus. Eine zweite DNA-Region vermittelt der Zelle Resistenz gegen ein Antibiotikum und kann als genetische Marke zur Selektion der plasmidtragenden Zellen einer Population benutzt werden. Eine dritte DNA-Region vermittelt Resistenz gegen ein weiteres Antibiotikum und kann als genetische Marke zur Insertionsinaktivierung genutzt werden. Bei Vorhandensein geeigneter Restriktionsschnittstellen in einer der beiden genetischen Marken kann diese jeweils zur Insertionsaktivierung genutzt werden, während die zweite Marke zur Selektion dient. Beispielhaft seien die dem Fachmann bekannten Plasmidvektoren pBR322 (Bolivar et al. 1979) und pACYC177 (Chang et al. 1978) für *E.coli* genannt.

Voraussetzung für die Konstruktion derartiger Plasmidvektoren sind Gene, die dem Wirt Resistenz gegen Antibiotika vermitteln. Eine weitere Voraussetzung ist das Vorhandensein singulärer Restriktionsschnittstellen in den entsprechenden Resistenzgenen der Plasmidvektoren, um diese zur Insertionsinaktivierung nutzen zu können.

Um Restriktionsschnittstellen in klonierten Antibiotika-Resistenzgenen zur Insertionsinaktivierung nutzen zu können, ist es nötig, endogene Schnittstellen im Plasmid zu entfernen. Dies kann z. B. durch Auffüllen der Schnittstelle mit Nukleosidtriphosphaten oder durch Nukleasebehandlung erfolgen. Diese Methoden sind aber nur sehr bedingt anwendbar, wenn es sich um eine in einem Gen oder in einer anderen essentiellen Region gelegene Schnittstelle handelt, weil damit ein Wechsel des Leserasters oder eine Deletion von DNA verbunden ist. Die Einführung von Punktmutationen ist nicht mit diesen Nachteilen verbunden. Eine Methode, die Punktmutationen setzt, wie die Mutagenese mit Hydroxylamin (Birch et al. 1985) birgt wiederum die Gefahr, unspezifisch mehrere Mutationen verteilt über ein ganzes Plasmid zu erzeugen.

Aufgabe der Erfindung ist ein Verfahren zur ortsspezifischen Mutagenese von DNA, um z. B. die Restriktionsschnittstellen in klonierten Antibiotika-Resistenzgenen zur Insertionsinaktivierung nutzen zu können, und die Konstruktion neuer Plasmidvektoren.

Gegenstand der Erfindung ist ein Verfahren zur ortsspezifischen Mutagenese von DNA an den Restriktionsschnittstellen, das dadurch gekennzeichnet ist, daß man die DNA isoliert, mit einem geeigneten Restriktionsenzym spaltet, die so behandelte DNA mit einem im allgemeinen 0,5 - 2 Mol/l, bevorzugt 1 Mol/l, Hydroxylamin enthaltenden Mutageneseansatz mischt und eine ausreichende Zeit, im allgemeinen 10 bis 60 min, bevorzugt 20 bis 30 min bei erhöhter Temperatur, bevorzugt bei 65 bis 70 °C inkubiert mit der Maßgabe, daß der DNA-Doppelstrang nicht oder nur im Bereich der Schnittstelle "aufschmilzt", anschließend die DNA nach an sich bekannten Methoden aufnimmt, mit einer Ligase behandelt, einen geeigneten Mikroorganismus mit der so mutierten DNA transformiert und die Transformanten isoliert.

Die Isolierung von DNA aus Zellen von Mikroorganismen erfolgt nach den allgemein bekannten Verfahren, ebenso die Spaltung an den Restriktionsschnittstellen, die Behandlung mit Ligase und die folgenden Schritte.

Der Mutageneseansatz enthält die bei Birch et al. beschriebenen Komponenten.

5 Gegenstand der Erfindung ist ebenso die nach dem beschriebenen Verfahren behandelte DNA, die eine oder mehrere inserierte Restriktionsschnittstellen aufweist.
Insbesondere geeignet ist eine DNA, die aufgrund dieser Mutagenese eine oder mehrere singuläre Restriktionsschnittstellen in einem oder, falls vorhanden, mehreren Resistenzgenen und/oder dem Replikon aufweist.

10 Diese für eine Resistenz codierenden DNA-Abschnitte können auch von einem inserierten Transposon stammen, wie sie allgemein bekannt sind.
Bevorzugt setzt man DNA in Form von Plasmiden, Plasmidvektoren oder Phagenvektoren ein, die in den Ansprüchen der Einfachheit halber als Plasmide erscheinen.

Gegenstand der Erfindung sind ebenfalls die die mutierte DNA tragenden Mikroorganismen, unter
15 denen besonders Stämme der Gattung *Corynebacterium*, *Brevibacterium* oder abgeleitete Aminosäuren-ausscheidenden Mutanten bevorzugt sind.

Die Erfindung bezieht sich weiterhin auf mutierte Formen von DNA, die mit Hilfe des erfindungsgemäßen Verfahrens hergestellt werden. Als Beispiel seien die Plasmide pCV34 (Abb. 6a) und pCV36 (Abb. 6b) genannt, die gegenüber dem Ausgangsplasmid eine mutierte *EcoRI*-Schnittstelle (pCV34) bzw. eine
20 mutierte *EcoRI*- und eine mutierte *PstI*-Schnittstelle (pCV36) besitzen und somit mutierte Formen des pHM1519-Replikons (Miwa et al. 1984) sind.

Diese Plasmide sind durch die entsprechenden Restriktionsenzyme nicht mehr spaltbar und deshalb für die Konstruktion von Plasmidvektoren den Ausgangsplasmiden vorzuziehen. Weiterhin können DNA-Fragmente in Plasmidmolekülen gegen solche ausgetauscht werden, die Mutationen tragen, welche mit dem
25 beschriebenen Verfahren hergestellt wurden. Eine derartige Vorgehensweise ist in Beispiel 5.4 bei der Konstruktion des Plasmidvektors pZ9 (Abb. 9) gezeigt. Wirte für die Plasmide pCV34, pCV36 und pZ9 sind Stämme der Gattungen *Corynebacterium* und *Brevibacterium* sowie insbesondere von diesen abgeleitete, Aminosäuren-ausscheidende Mutanten. Für Plasmid pZ9 ist außerdem *E.coli* ein Wirt. Die Plasmidtragenden Stämme der Gattungen *Corynebacterium*, *Brevibacterium* und *Escherichia* können nach konventionellen Methoden, wie sie dem Fachmann bekannt sind, kultiviert werden. folgende Stämme wurden bei
30 der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen hinterlegt:
Corynebacterium glutamicum ATCC 13032/pCV34 als DSM 5025, *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032/pCV36 als DSM 5026 und *Escherichia coli* DH5 /pZ9 als DSM 4938.

Ein weiterer Bestandteil der Erfindung ist der Einsatz von Antibiotika-Resistenzgenen aus *Corynebacterium xerosis* für die Konstruktion von Plasmidvektoren, die im Gram-negativen und Gram-positiven Bakterien und insbesondere in Aminosäure-ausscheidenden Stämmen der Arten *Corynebacterium glutamicum*,
35 *Brevibacterium flavum* und verwandten Arten replizieren.

Ein in dem von Kono et al. (1983) isolierten Stamm von *Corynebacterium xerosis* M82B enthaltenes, etwa 50 Kilobasenpaare (kb) umfassendes Resistenzplasmid wurde mittels einer modifizierten Lyse nach
40 Birnboim und Doly (1982) isoliert und als pCXM82B bezeichnet. Nach Verdauung der Plasmid-DNA mit Restriktionsenzymen konnte das Plasmid durch Vergleich der in Einzel- und Doppelverdauung erhaltenen DNA-Fragmente charakterisiert werden. Nach Klonierung überlappender DNA-Fragmente wurden die in den Abb. 1a und 1b dargestellten Restriktionskarten gefunden. Aus dem Plasmid pCXM82B wurden unter Zuhilfenahme des dem Fachmann bekannten *E.coli*-Vektors pUC19 DNA-Fragmente isoliert, welche Gene
45 tragen, die dem Wirt Resistenz gegen die Antibiotika Chloramphenicol, Kanamycin und Erythromycin verleihen. Das Chloramphenicol-Resistenzgen liegt auf einem 5 kb langen *BglII*-DNA-Fragmente (Abb. 2a). Das Kanamycin-Resistenzgen liegt auf einem 1,7 kb langen *Sall*-DNA-Fragment (Abb. 2b). Das Erythromycin-Resistenzgen liegt auf einem 8,5 kb langen *Sall*-DNA-Fragment (Abb. 2c). Ein Tetrazyklin-Resistenzgen, das nicht in *E.coli*, aber in *C.glutamicum* zur Ausprägung einer Resistenz führt, konnte nach
50 Fusion eines das Gen (Abb. 2d) enthaltenden pUC19-Plasmids mit einem *Corynebacterium*-Replikon und Transformation in *C.glutamicum* identifiziert werden. Der Stamm *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032 mit dem Pendelvektor p2Hi4S (Tc^R) wurde bei der Deutschen Stammsammlung von Mikroorganismen als DSM 5396 hinterlegt. Die beschriebenen DNA-Fragmente mit den entsprechenden Resistenzgenen können von jedem Fachmann aus dem bei der Deutschen Stammsammlung von Mikroorganismen unter DSM 5021
55 hinterlegten Stamm von *Corynebacterium xerosis* M82B isoliert werden. Die DNA-Sequenz des Chloramphenicol-Resistenz vermittelnden DNA-Fragments wird als Bestandteil der Erfindung bestimmt. Die Analyse des Kodierbereichs ist in Abb. 3b und die DNA-Sequenz in Abb. 4 dargestellt. Das Strukturgen umfaßt 1173 Basenpaare mit einem ATG-Codon am Beginn und zwei TGA-Codonen am Ende des

Strukturgenen.

Als Bestandteil der Erfindung wurden weiterhin, ausgehend von den oben beschriebenen Resistenzgenen aus *Corynebacterium xerosis*, Plasmidvektoren konstruiert, die in Aminosäuren-ausscheidenden Stämmen der Arten *Corynebacterium glutamicum* und *Brevibacterium flavum* bzw. verwandten Arten replizieren. So wurde, ausgehend von dem oben beschriebenen Plasmid pCV36, unter Verwendung des Chloramphenicol-Resistenzgens der in Abb. 7 dargestellt Plasmidvektor pCVX4 konstruiert, der neben dem Chloramphenicol-Resistenzgen das Kanamycin-Resistenzgen des Transposons Tn5 trägt. Das Plasmid pCVX4 hat eine Länge von 6,5 kb und bietet die Möglichkeit zur Insertionsinaktivierung durch die singulären Restriktionsschnittstellen EcoRI, PstI und MluI im Chloramphenicol-Resistenzgen. Weiterhin wurde der Plasmidvektor pCVX10 (Abb. 8a) konstruiert, der eine Länge von 7 kb hat und das Kanamycin-Resistenzgen von *Corynebacterium xerosis* mit den singulären Restriktionsschnittstellen XhoI und ClaI sowie das oben beschriebene Chloramphenicol-Resistenzgen von *Corynebacterium xerosis* trägt. Schließlich wurde der in Abb. 8b dargestellte Plasmidvektor pCVX15 konstruiert, der eine Länge von 13,8 kb hat und das Erythromycin-Resistenzgen sowie das oben beschriebene Chloramphenicol-Resistenzgen von *Corynebacterium xerosis* trägt.

Folgende Stämme wurden bei der Deutschen Stammsammlung von Mikroorganismen hinterlegt: *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032/pCVX4 als DSM 5022, *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032/pCVX10 als DSM 5023, *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032/pCVX15 als DSM 5024.

Weiterhin ist der vorteilhafte Expressionsvektor pZ8-1, der in Abb. 10 dargestellt ist, ein Bestandteil der Erfindung. Plasmid pZ8-1 hat eine Länge von 7,0 kb und trägt die nach dem oben beschriebenen neuen Verfahren der Hydroxylamin-Mutagenese hergestellte mutierte Form des pHM1519-Replikons, welche während der Konstruktion durch Austausch eines DNA-Fragmentes in das Plasmid eingeführt wurde. Im besonderen trägt das Plasmid pZ8-1 den tac-Promotor (De Boer et al. 1983), gefolgt von einem DNA-Fragment mit Mehrfach-Klonierschnittstellen und schließlich den T1T2-Terminator des *rmB*-Gens von *Escherichia coli* (Brosius et al. 1981). Durch Verwendung des T1T2-Terminators wird die stabile Replikation des Plasmids pZ8-1 in *C. glutamicum* gesichert. *Escherichia coli* DH5/pZ8-1 wurde bei der Deutschen Stammsammlung von Mikroorganismen unter DSM 4939 hinterlegt. Die Eignung des Plasmids pZ8-1 als Expressionsvektor wurde durch die Insertion des Phosphoenolpyruvat-Carboxylase-Gens von *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032 (Britische Patentanmeldung 8821319.4) in die Mehrfach-Klonierschnittstelle gezeigt. Das dadurch entstandene Plasmid pDM7 (Abb. 11) hat eine Länge von 10,4 kb und bewirkt in *Corynebacterium glutamicum* eine etwa 20fach gesteigerte Expression des Enzyms Phosphoenolpyruvat-Carboxylase.

Die Konstruktion des Plasmids pDM7 gelingt dem Fachmann nach bekannten Methoden unter Verwendung der hinterlegten Plasmide pZ8-1 (DSM 4939) und pDM6 (DSM 4242), das das *ppc*-Gen enthält (Abb. 12).

Gegenstand der Erfindung sind ebenfalls Mikroorganismen der Gattungen *Escherichia*, *Corynebacterium*, *Brevibacterium*, insbesondere der Aminosäuren-ausscheidenden Mutanten, die die erfindungsgemäß mutierte DNA oder Plasmide und Resistenzgene von *C. xerosis* M82B inseriert enthalten.

Beispiele

1. Isolierung und Charakterisierung eines Resistenzplasmids aus *Corynebacterium xerosis*

Resistenzplasmid-tragende Stämme von *C. xerosis* wurden erstmalig 1983 beschrieben (Kono et al.). Die Autoren untersuchten dabei klinische Isolate und fanden bei einigen Stämmen von *C. xerosis* mit einem breiten Resistenzspektrum große (>40 kb) Plasmide. Das R-Plasmid des Stammes M82B (pCXM82B), das Resistenzen gegen Erythromycin, Chloramphenicol, Kanamycin und Tetracyclin trägt wurde in Rahmen der Erfindung näher charakterisiert.

1.1 Modifizierte Lyse zur Gewinnung von Plasmid-DNA

Die Lysemethode nach Birnboim und Doly (1982) mit den Modifikationen für *C. glutamicum* (Thierbach et al. 1988) ist auf *C. xerosis* nur bedingt anwendbar. Aus diesem Grund wurde die folgende Vorbehandlung, die auf einer Aceton-Behandlung nach Heath et al. (1986) beruht, für eine Lyse von *C. xerosis* nach Birnboim und Doly entwickelt.

10 Milliliter (ml) einer Übernachtskultur von *C.xerosis* in LBG (Luria Broth mit 2g/l Glucose - Manlatis et al.1982) mit zugesetztem Antibiotikum werden zu 200 ml LBG mit Antibiotikum und 10% Glycin gegeben und 20 Stunden bei 30 °C im Schüttler (120 U/min) gewachsen. Die Zellen werden durch Zentrifugation (10 Minuten bei 6000 U/min) in der Zentrifuge Beckman J2-21 (Rotor JA14) geerntet und in 1 ml TES (50mM Tris, 5 mM EDTA, 50mM NaCl, pH 8.0) aufgenommen. Nach Zugabe von 40 ml Aceton werden die Zellen 6 Minuten in Eis inkubiert und dabei in Abständen von 30 Sekunden durch Schütteln vermischt. Danach werden die Zellen pelletiert und zweimal mit je 40 ml TES gewaschen. Nach erneuter Zentrifugation wird das Pellet in 40 ml FL-Puffer (410mM Saccharose, 10mM MgCl, 50% MMYC-Medium - Katsumata et al.1984) mit 20 mg/ml Lysozym aufgenommen und mehrfach durch eine 50ml- Plastik-Spritze (Fresenius) gepresst. Das so hergestellte Homogenisat wird unter Schütteln (100 rpm) 5 Stunden bei 37 °C inkubiert und dann abzentrifugiert. Die folgenden Schritte der Prozedur entsprechen dann der Lyse nach Birnboim und Doly (1982) ohne Lysozymbehandlung. Die mit 96% Äthanol ausgefällte Plasmid-DNA wird anschließend in 150 µl TE aufgenommen und die DNA-Konzentration bei 20 nm im Photometer bestimmt. Auf diese Weise werden aus 200 ml stationärer Kultur von *C.xerosis* etwa 20 µg pCXM82B-DNA gewonnen.

1.2 Restriktionskartierung des Plasmids pCXM82B

Zur Kartierung des aus *C.xerosis* isolierten Plasmids pCXM82B wurden Restriktionsenzyme eingesetzt, die dieses etwa 50 Kilobasen (kb) große Plasmid relativ selten schneiden. Die unten genannten Enzyme (Tabelle 1a) haben zwischen einer und vier Erkennungsstellen auf dem Plasmid.

Tabelle 1a

Zur Grobkartierung von pCXM82B eingesetzte Enzyme	
Restriktionsenzym	Anzahl der Schnittstellen
<i>ClaI</i>	3
<i>EcoRV</i>	3
<i>HpaI</i>	1
<i>NsaI</i>	4

Alle Restriktionsverdauungen erfolgten nach den Angaben der Hersteller. Durch Doppelverdauungen konnte die Lage der Schnittstellen relativ zueinander festgestellt werden. Eine genaue Kartierung erfolgte nach Klonierung überlappender Restriktionsfragmente des Plasmids, die mit häufiger schneidenden Enzymen (Tabelle 1b) zuerst in den *E.coli* Plasmidvektor pUC19 (Norlander et al.1983) kloniert, dann kartiert und später zu einer zirkulären Karte des Plasmids vereinigt wurden. Dabei lieferte die Grobkartierung die Anhaltspunkte zum Erstellen der genauen Karte (Abb.1). Der Stamm *Corynebacterium xerosis* M82B mit dem R-Plasmid pCXM82B wurde unter der Bezeichnung DSM 5021 bei der Deutschen Stammsammlung von Mikroorganismen hinterlegt.

Tabelle 1b

Zur Subklonierung und Feinkartierung von pCXM82B eingesetzte Enzyme	
Restriktionsenzym	Anzahl der Schnittstellen
<i>Bam</i> HI	7
<i>Bgl</i> II	8
<i>Eco</i> RI	10
<i>Hind</i> III	8
<i>Kpn</i> I	5
<i>Pst</i> I	13
<i>Sa</i> I	13
<i>Xba</i> I	2

Alle Längenbestimmungen erfolgten durch Gelelektrophorese in Agarosegelen und Vergleich mit Längenstandards (DNA des Bakteriophagen λ , verdaut mit *Eco*RI und *Hind*III bzw. *Pst*I).

2. Klonierung von Antibiotika-Resistenzgenen aus *C.xerosis* in *E.coli*

Zur Isolierung von DNA-Fragmenten mit Antibiotika-Resistenz-Eigenschaften wurden die überlappenden Subklone im *E.coli*-Plasmid pUC19 (siehe 1.2) genutzt.

2.1 Klonierung des Chloramphenicol-Resistenzgens

DNA des Plasmids pCXM82B wurde nach der in 1.1 beschriebenen Methode aus *C.xerosis* isoliert und mit dem Restriktionsenzym *Bgl*II gespalten. Aus *E.coli* nach bekannten Verfahren (Maniatis et al. 1982) gewonnene Plasmid-DNA des Vektors pUC19 wurde mit *Bam*HI verdaut und mit alkalischer Phosphatase behandelt. Bei Plasmide wurden gemischt und das Gemisch mit T4-DNA-Ligase behandelt. Mit diesem Gemisch wurde dann *E.coli* JM83 (Messing 1979) transformiert. Es konnte aus den Transformanten ein Plasmid isoliert werden, welches Resistenz gegen das Antibiotikum Chloramphenicol (25 μ g/ml auf Agarplatten des Antibiotic Medium No.3-Firma Oxoid) verleiht. Dieses Plasmid, genannt pBg12, ist neu und besteht aus dem pUC19-Vektor mit einem 5 kb langen Insert von pCXM82B-DNA (Abb. 2a). Das Plasmid pBg12 wurde mit den Enzymen *Bam*HI und *Pst*I behandelt. Die Verdauung mit *Pst*I wurde partiell durchgeführt. Das aus *E.coli* JM83 isolierte Plasmid pSVB21 (Arnold und Pühler, 1988) wurde ebenfalls mit *Bam*HI und *Pst*I verdaut. Beide wurden anschließend gemischt und das Gemisch mit T4-DNA-Ligase behandelt. Nach Transformation von *E.coli* JM83 wurde das Plasmid pCX10 isoliert. Dieses Plasmid ist neu und trägt im Vektor pSVB21 ein 1.9 kb großes *Bam*HI-*Pst*I-Subfragment des Inserts von pBg12 (Abb.2a).

2.2 Klonierung des Kanamycin-Resistenzgens

Plasmid-DNA von pCXM82B wurde mit dem Enzym *Eco*RV verdaut und mit *Sma*I-gespaltener und mit alkalischer Phosphatase behandelter pUC19-DNA gemischt. Das Gemisch wurde mit T4-DNA-Ligase inkubiert und nach *E.coli* JM83 transformiert. Aus einer Kanamycin-resistenten Transformante wurde das Plasmid pEVK1 isoliert, das dem Stamm JM83 eine Resistenz gegen 25 μ g/ml Kanamycin und 10 μ g/ml Neomycin (Antibiotic Medium No.3) verleiht. pEVK1 ist neu und besteht aus dem Plasmid pUC19 mit einem 2.7 kb langen DNA-Fragment aus pCXM82B (Abb. 2b).

2.3 Klonierung des Erythromycin-Resistenzgens

Nach der in 1.1 beschriebenen Methode isolierte Plasmid-DNA von pCXM82B wurde mit dem Enzym *SaI* gespalten und mit dem ebenfalls *SaI*-gespaltenen und mit alkalischer Phosphatase behandelten Plasmid pUC19 gemischt. Das Gemisch wurde mit T4-DNA-Ligase behandelt und nach *E.coli* JM83 transformiert. Es wurde eine Transformante isoliert, die auf Antibiotic Medium No.3 resistent gegen 120 µg/ml Erythromycin war und nach dieser Primärselektion eine Resistenz von mehr als 2mg/ml aufwies. Dieses Plasmid (pSalE2) ist neu und besteht aus einem 8.5 kb langen Insert im Vektor pUC19 (Abb. 2c). Die auf diesem DNA-Fragment lokalisierte Erythromycin-Resistenz ist durch geringe Mengen (10-100µg/ml) an Erythromycin induzierbar.

2.4 Expression der Resistenzgene in *E.coli*

Die in den *E.coli*-Vektor pUC19 klonierten Antibiotika-Resistenz-vermittelnden DNA-Fragmente von pCXM82B (siehe 2.) wurden auf ihre minimale Hemmkonzentration hin untersucht (Tabelle 2). Dazu wurden, die im *E.coli*-Stamm JM83 vorliegenden Klone in LBG-Flüssigmedium aus einer Antibiotika-enthaltenden Vorkultur mit einer Konzentration von etwa 10^6 Zellen pro Milliliter angeimpft, verschiedene Konzentrationen der entsprechenden Antibiotika zugesetzt und ca. 16 Stunden bei 37° C inkubiert.

3. DNA-Sequenzanalyse des Chloramphenicol-Resistenzgens

Die Nukleotidsequenz des 1.9kb langen *Bam*HI-*Pst*I-DNA-Fragments wurde nach der Methode von Maxam et al. (1977) mit den Modifikationen von Arnold und Pühler (1988) und nach der Methode von Sanger et al. (1978) vollständig bestimmt. Die Subklonierung erfolgte dabei in die *E.coli*-Sequenziervektoren pSVB20, pSVB21, pSVB25 und pSVB27 (Arnold und Pühler 1988). Die Sequenzierstrategie ist in Abb.3a wiedergegeben. Das DNA-Stück trägt Restriktionsschnittstellen für die Enzyme *Bam*HI, *Eco*RI, *Nru*I, *Pst*I, *Sac*I und *Sma*I mit denen auch die Subklone hergestellt wurden.

Die Sequenz beider DNA-Stränge wurde mit Hilfe des Sequenzanalyse-Programmpaketes ANALYSEQ (Staden 1986) analysiert. Die Kodierbereichsanalyse (Abb.3b) gibt einen für ein Protein codierenden Bereich zwischen den Positionen 520 und 1720 an. In der Nukleotidsequenz des 1.9kb DNA-Fragments (Abb.4) findet sich dort ein langes offenes Leseraster. Es beginnt an der Position 545 mit dem Startcodon ATG und endet an der Position 1717 mit 2 aufeinander folgenden Stopcodons (TGA). Sechs Nukleotide vor dem Startcodon befindet sich eine Ribosomenbindungsstelle (GGAG). Das Molekulargewicht des Proteins beträgt 39.3 Mdals. Es hat keinerlei Sequenzhomologie zu den bekannten Chloramphenicol-Acetyltransferase-Genen von anderen Organismen (Stand EMBL DATA Library Release 15).

Tabelle 2

Minimale Hemmkonzentrationen (MIC) der klonierten Resistenzen				
Stamm	Plasmid	Kanamycin	Chloramphenicol	Erythromycin
<i>C.xerosis</i> M82B	pCXM82B	>1000	>200	>2000
<i>E.coli</i> JM83	-	20	5	300
<i>E.coli</i> JM83	pUC19	20	5	300
<i>E.coli</i> JM83	pEVK1	>1000	n.t.	n.t.
<i>E.coli</i> JM83	pBg12	n.t.	>100	n.t.
<i>E.coli</i> JM83	pSalE2	n.t.	n.t.	>2000
Alle Werte sind in µg/ml angegeben.				

4. Konstruktion von Plasmidvektoren (pCV30, pCV33) für *Coryne*- und *Brevibakterien* und Herstellung von mutierten Formen des Replikons pHM1519 und des Tn5-Kanamycin-Resistenzgens

5 4.1 Konstruktion von Vektorplasmiden für *Coryne*- und *Brevibakterien*

Die Konstruktion der Vektoren ist in Abb.5 wiedergegeben. Der in der Britischen Patentanmeldung 8821319.4 beschriebene Pendelvektor pECS300 (Abb. 13) wurde aus *E.coli* JM 83 isoliert und nach *C.glutamicum* ATCC 13032 transformiert (Thierbach et al. 1988). Das Plasmid pHM1519 (Miwa et al. 1984) wurde partiell mit *Hind*III restringiert und mit dem vollständig *Hind*III-verdauten pECS300 ligiert. Das Ligationsgemisch wurde nach *C.glutamicum* transformiert, von 24 der Transformanten Plasmid-DNA isoliert und mit *Hind*III gespalten. In den kürzesten dieser Plasmide lag das die Kanamycin-Resistenz tragende *Hind*III-Fragment in eine der *Hind*III-Schnittstellen des kryptischen Replikons pHM1519 kloniert vor (pCV30). Das 4.5 kb große Plasmid pCV30 wurde dann mit *Sma*I und *Sa*I gespalten und ein etwa 25 bp langes *Sma*I-*Sa*I-Stück aus dem *E.coli*-Vektor pUC19 (Norlander et al. 1983) inseriert. Das resultierende Plasmid pCV33 ist 4.5kb lang und trägt einzelne Schnittstellen für die Enzyme *Sma*I, *Bam*HI, *Xba*I und *Sa*I.

20 4.2 In vitro-Mutagenese von Plasmiden aus *Corynebacterium glutamicum*

Um Restriktionsschnittstellen in klonierten Antibiotika-Resistenzgenen zur Insertionsinaktivierung nutzen zu können, ist es unter Umständen nötig, zuerst endogene Schnittstellen im Plasmid zu entfernen. Dies kann z.B. durch Auffüllen der Schnittstelle mit Nukleosidtriphosphaten oder durch Nuklease-Behandlung erfolgen. Diese Methoden sind aber nur sehr bedingt anwendbar, wenn es sich um eine in einem Gen oder in einer anderen essentiellen Region gelegene Schnittstelle handelt, da ein Wechsel des Leserasters oder eine Deletion von DNA erreicht wird. Eine Methode, die Punktmutationen setzt, wie die Mutagenese mit Hydroxylamin (Ashley et al. 1985) birgt aber die Gefahr, unspezifisch mehrere Mutationen verteilt über ein ganzes Plasmid zu erzeugen. Die hier entwickelte modifizierte Hydroxylamin-Mutagenese zeichnet sich vor allem durch eine hohe Ortsspezifität aus. Dies wird durch Linearisierung der Plasmide mit den entsprechenden Enzym und durch niedrigere Temperaturen als beschrieben erreicht, so daß der DNA-Doppelstrang nur im Bereich der Schnittstelle oder überhaupt nicht aufschmilzt. Sowohl die *Eco*RI-Schnittstelle in 4.2.1 (pHM1519 - Miwa et al.1984) als auch die *Pst*I-Schnittstelle im Kanamycin-Resistenzgen liegen in essentiellen Bereichen und konnten weder durch Auffüllen noch durch S1-Nukleasebehandlung entfernt werden. Eine Punktmutation (Cytosin → Thymin) im Kanamycin-Resistenzgen würde aber sowohl das Leseraster als auch die Aminosäuresequenz des Proteins erhalten.

4.2.1 Mutagenese der *Eco*RI-Schnittstelle im Replikon von pCV33 und Erzeugung von pCV34

Das Plasmid pCV33 wurde nach Thierbach et al. (1988) isoliert und mit dem Enzym *Eco*RI gespalten. Der Mutageneseansatz besteht aus etwa 2µg Plasmid-DNA in 60µl TE-Puffer, 180µl 1.5M Hydroxylamin-HCl in 25mM EDTA, 5µl 0.25M EDTA und 13µl 1M Tris-HCl, pH 8.0. Der Ansatz wurde gemischt und 30 Minuten bei 68 °C inkubiert. Nach Phenol-Behandlung und Äthanol-Fällung der Plasmid-DNA (Maniatis et al. 1982) wurde das DNA-Pellet in 20 µl TE aufgenommen und mit T4-DNA-Ligase behandelt. Nach Transformation von *C.glutamicum* ATCC 13032 mit der Plasmid-DNA konnten Transformanten isoliert werden, die durch das Enzym *Eco*RI nicht mehr gespalten werden. Das Plasmid pCV34 (Abb.6a) ist neu. Der Stamm *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032 mit dem Plasmid pCV34 wurde bei der Deutschen Stammsammlung von Mikroorganismen unter DSM 5025 hinterlegt.

50 4.2.2 Mutagenese der *Pst*I-Schnittstelle im Kanamycin-Resistenzgen von pCV34 und Erzeugung des Plasmids pCV36

Analog zur oben genannten Vorgehensweise (4.2.1) wurde pCV34-Plasmid-DNA mit dem Enzym *Pst*I linearisiert und der Hydroxylamin-Mutagenese unterzogen. Die Reaktionsdauer und Temperatur betrugen dabei 20 Minuten und 68 °C. Nach Ligation mit T4-DNA-Ligase und Transformation nach *C.glutamicum* konnte das Plasmid pCV36 (Abb.6b) isoliert werden, das gegen Restriktion durch *Eco*RI und *Pst*I resistent ist. pCV36 ist neu und weist die gleiche Kanamycin-Resistenzhöhe auf wie pCV33. *C.glutamicum* ATCC

13032/pCV36 wurde bei der Deutschen Stammsammlung von Mikroorganismen unter DSM 5026 hinterlegt.

5. Konstruktion von Plasmiden mit zwei Antibiotika-Resistenzgenen und der Möglichkeit zur Insertionsinaktivierung

5.1 Herstellung des Plasmids pCVX4 unter Verwendung des Chloramphenicol-Resistenzgens aus *C.xerosis*

Aus dem *E.coli*-Plasmid pCX10 (2.1), welches ein 1.9 kb großes Insert von pCXM82B-DNA trägt (Abb.2a), wurde ein 1.9 kb langes *Bam*HI-*Sa*I-Fragment isoliert. Die *Sa*I-Schnittstelle stammt dabei nicht aus dem *C.xerosis*-DNA-Fragment, sondern befindet sich unmittelbar neben der das DNA-Fragment begrenzenden *Pst*I-Schnittstelle im Vektor pSVB21. Das isolierte DNA-Stück wurde mit dem mit *Bam*HI und *Sa*I restringierten und mit alkalischer Phosphatase behandelten Plasmidvektor pCV36 gemischt. Dieses Gemisch wurde ligiert und nach *C.glutamicum* transformiert. Aus einer Chloramphenicol-resistenten Transformante konnte das Plasmid pCVX2.1 isoliert werden (Abb.7). Das neue Plasmid wurde dann mit *Sa*I linearisiert und mit der Nuklease *Ba*ß1 behandelt. Nach der Behandlung mit T4-DNA-Polymerase und Ligation mit T4-DNA-Ligase wurde *C.glutamicum* mit dem Plasmid-Gemisch transformiert und aus einer Transformante das Plasmid pCVX4 isoliert. pCVX4 ist neu, 6.5 kb lang und vermittelt der Zelle Resistenzen gegen Kanamycin und Chloramphenicol. Es hat die Schnittstelle für *Sa*I und eine der *Pst*I-Erkennungsstellen verloren und bietet Insertionsinaktivierungsmöglichkeiten durch die Enzyme *Eco*RI, *Pst*I und *M*luI im Cm-Gen (Abb.7). Der das Plasmid pCVX4 tragende Stamm *C.glutamicum* ATCC 13032 wurde bei der Deutschen Stammsammlung von Mikroorganismen unter DSM 5022 hinterlegt.

5.2 Herstellung des Plasmids pCVX10 unter Verwendung des Kanamycin-Resistenzgens aus *C.xerosis*

Das Plasmid pCVX2.1 (siehe 5.1) wurde aus *C.glutamicum* isoliert, mit *Bam*HI und *B*glII verdaut, mit T4-DNA-Ligase behandelt und nach *C.glutamicum* transformiert. Aus einer Kanamycin-sensitiven und Chloramphenicol-resistenten Transformante wurde das Plasmid pCVX2.1ΔBB isoliert (Abb.8). Dieses weist eine Deletion von 1.4 kb gegenüber pCVX2.1 auf, die das ganze Kanamycin-Resistenzgen von Tn5 umfasst. pCVX2.1ΔBB wurde mit *Sa*I linearisiert, mit alkalischer Phosphatase behandelt und mit dem ebenfalls mit *Sa*I-gespaltenen Plasmid pCXM82B gemischt. Nach Ligation und Transformation wurde aus einer Kanamycin-resistenten Transformante das Plasmid pCVX10 isoliert (Abb.8a). pCVX10 ist neu, 7 kb groß und trägt Resistenzen gegen Kanamycin und Chloramphenicol. Das Plasmid bietet zusätzlich zum Cm-Gen neue Insertionsinaktivierungsmöglichkeiten durch die Enzyme *X*hoI und *C*laI im Kanamycin-Resistenzgen. Der das Plasmid pCVX10 tragende Stamm *C.glutamicum* ATCC 13032/pCVX10 wurde bei der Deutschen Stammsammlung von Mikroorganismen unter DSM 5023 hinterlegt.

5.3 Herstellung des Plasmids pCVX15 unter Verwendung des Erythromycin-Resistenzgens aus *C.xerosis*

Das Plasmid pCVX2.1ΔBB (5.2) wurde mit dem Restriktionsenzym *Sa*I gespalten und mit alkalischer Phosphatase behandelt. pSalE2 (siehe 2.3) wurde mit *Sa*I restringiert und beide Plasmide miteinander gemischt. Das Gemisch wurde mit T4-DNA-Ligase behandelt und nach *C.glutamicum* transformiert. Aus einer gegen 10 µg/ml Erythromycin resistenten Transformante wurde das Plasmid pCVX15 isoliert (Abb.8b), welches das 8.5 kb lange, in *E.coli* ebenfalls Em-Resistenz-vermittelnde, DNA-Fragment trägt. Das Plasmid pCVX15 ist neu und trägt singuläre Schnittstellen für die Enzyme *B*glII, *Bam*HI und *X*baI auf dem die Erythromycin-Resistenztragenden DNA-Fragment und für *Eco*RI und *Pst*I im Cm-Gen. Der das Plasmid pCVX15 tragende Stamm *C.glutamicum* ATCC 13032/pCVX15 wurde bei der Deutschen Stammsammlung von Mikroorganismen unter DSM 5024 hinterlegt.

5.4. Herstellung des *E.coli*-*C.glutamicum* Pendelvektors p2Hi4S und Identifizierung des Tetrazyklin-Resistenzgens aus *C.xerosis* in *C.glutamicum*

Der *E.coli*-Vektor pUC19 wurde mit dem Enzym *H*indIII linearisiert und mit dem ebenfalls *H*indIII gespaltenen Plasmid pCXM82B ligiert. Es wurde ein pUC19-Derivat isoliert, das ein 10,7 kb großes DNA-

Stück von pCXM82B enthält. Das Plasmid p2Hi4 ist neu und trägt auf dem klonierten Fragment das Erythromycin-Resistenzgen.

p2Hi4 wurde mit XbaI gespalten. Der Corynebakterien-Vektor pCV33 (s. 4.1.) wurde ebenfalls mit XbaI verdaut und mit alkalischer Phosphatase behandelt. Nach Ligation beider Plasmide mittels T4-DNA-Ligase und Transformation in den *E.coli*-Stamm DH5 α konnte das Plasmid p2Hi4S (Abb. 14) isoliert werden, das in *E.coli* Resistenz gegen Ampicillin, Kanamycin und Erythromycin vermittelt.

p2Hi4S ist neu und kann als Pendelvektor in *E.coli* und *C.glutamicum* replizieren. Nach Transformation von *C.glutamicum* durch p2Hi4S wurden kanamycin- und erythromycin-resistente Kolonien isoliert, die zusätzlich noch tetrazyklin-resistent waren. Durch Plasmidanalyse und Retransformation konnte gezeigt werden, daß die Tetrazyklin-Resistenz durch das *C.xerosis*-DNA-Fragment vermittelt wird.

5.4 Austausch von mutierten DNA-Fragmenten in Plasmidvektoren - Konstruktion des Plasmids pZ9

Das Plasmid pZ1, welches in der Deutschen Patentanmeldung 3737729.9 beschrieben ist, wurde aus *E.coli* nach bekannten Methoden (Maniatis et al. 1982) isoliert. Nach Linearisierung mit der Restriktionsendonuklease PstI wurde das Plasmid mit Hilfe der Nuklease BstXI um etwa eine Kilobase (kb) verkürzt. Nach Behandlung mit T4-DNA-Ligase und Transformation von *E.coli* DH5 (Hanahan 1985) konnte ein als pZ2-1 bezeichnetes Plasmid isoliert werden. Nach Verdauung des Plasmids pCV34 mit HincII und PstI wurde das 2.4 kb lange HincII-DNA-Fragment mittels Elektroelution isoliert. Das so gewonnene Fragment wurde mit dem Plasmid pZ2-1, das mit HincII und alkalischer Phosphatase behandelt worden war, gemischt und das Gemisch mit T4-DNA-Ligase behandelt. Nach Transformation von *E.coli* DH5 wurde aus einer Kanamycin-resistenten Transformante das Plasmid pZ3-4 isoliert, welches durch die Restriktionsendonuklease EcoRI nicht mehr gespalten wird.

Das Plasmid pCVX2.1, welches das Chloramphenicol-Resistenzgen aus *C.xerosis* trägt (siehe 5.1), wurde mit BamHI und SalI behandelt. Das 1.9 kb lange DNA-Fragment konnte anschließend durch Behandlung mit BstXI um etwa 0.1 kb verkürzt werden. Nach Behandlung mit T4-DNA-Polymerase wurde das beschriebene DNA-Fragment in die SalI-Schnittstelle von pZ3-4 inseriert, wobei der als pZ9 bezeichnete Vektor entstand (Abb.9). *E.coli* DH5 α /pZ9 wurde bei der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen unter DSM 4938 hinterlegt. Das Plasmid pZ9 ist neu und trägt singuläre Restriktionsschnittstellen für XhoI und ClaI im Kanamycin-Resistenzgen und für PstI, MluI und EcoRI in Chloramphenicol-Resistenzgen, die zur Insertions-inaktivierung genutzt werden können.

5.6. Expression der Gene für Kanamycin-, Chloramphenicol-, Erythromycin- und Tetrazyklin-Resistenz aus *C.xerosis* in *C.glutamicum*

Die zuvor konstruierten Plasmidvektoren wurden nach Transformation (Thierbach et al. 1988) in *C.glutamicum* ATCC 13032 auf ihre minimalen Hemmkonzentrationen getestet (Tabelle 3).

Tabelle 3

Minimale Hemmkonzentrationen (MIC) der klonierten Resistenzen					
Stamm	Plasmid	Kanamycin	Chloramphenicol	Erythromycin	Tetrazyklin
C _x	pCXM82B	>1000	>200	>2000	40
C _g	-	<10	<3	<5	<3
C _g	pCV34	>500 ¹	n.t.	n.t.	n.t.
C _g	pCVX10	>1000	>80	n.t.	n.t.
C _g	pCVX4	>500 ¹	>80	n.t.	n.t.
C _g	pCVX15	n.t.	>80	>1000	n.t.
C _g	pZ9	>500 ²	>80	n.t.	n.t.
C _g	p2Hi4S	>500 ¹	n.t.	>1000	>20

Die minimale Hemmkonzentration wurde in LBG-Medium analog zu 2.4 ermittelt. Cx bedeutet Cxerosis M82B und Cg *C.glutamicum* ATCC 13032. Die Kanamycin-R sistenz der Plasmide pCV34 und pCVX4⁽¹⁾ stimmt vom Tn5 und die des Plasmids pZ9 von Tn903⁽²⁾. All Wert sind in µg/ml angegeben.

6. Konstruktion von Expressionsvektoren für Coryne- und Brevibakterien mit Hilfe des mutierten pHM1519-Replikons

6.1 Konstruktion des Expressionsplasmids pZ8-1 mit dem *tac*-Promoter und dem *rnnB*-T1T2-Terminator

Der Expressionsvektor pKK223-3 (Brosius 1984) wurde von der Firma Pharmacia bezogen und mit den Enzymen *ScaI* und *Bam*HI behandelt. Die Behandlung mit *Bam*HI wurde dabei als partielle Verdauung durchgeführt. Das entstehende 1.1 kb lange *ScaI*-*Bam*HI-Fragment, das den *tac*-Promotor, eine DNA-Sequenz mit Erkennungsstellen für die Enzyme *Pst*I, *SaI*, *Bam*HI und *Eco*RI und den T1T2-Terminator des *rnnB*-Gens trägt, wurde mittels Elektroelution isoliert und mit T4-DNA-Polymerase behandelt. Das beschriebene Fragment wurde mit dem Plasmid pZ3-4, das mit *ScaI* linearisiert worden war, gemischt, mit T4-DNA-Ligase behandelt und *E.coli* DH5 mit dem Ligationsgemisch transformiert. Aus einer Kanamycin-resistenten Transformante wurde das Plasmid pZ8-1 isoliert, das in Abb.10 dargestellt ist. *E.coli* DH5/pZ8-1 wurde bei der Deutschen Stammsammlung von Mikroorganismen unter der Nummer DSM 4939 hinterlegt. Nach Transformation von *C.glutamicum* ATCC 13032 konnte die Replikationsfähigkeit von pZ8-1 nachgewiesen werden. Das Plasmid pZ8-1 vermehrt sich unter nichtselektiven Kulturbedingungen für mindestens 70 Generationen stabil in *Corynebacterium glutamicum*.

6.2 Überexpression des PEP-Carboxylase-Gens (*ppc*) von *C.glutamicum* mit Hilfe des Vektors pZ8-1

Das Plasmid pDM2, welches in der Britischen Patentanmeldung 8821319.4 beschrieben ist, wurde mit *SaI* und *SmaI* behandelt und mit dem Vektor pZ8-1 gemischt, der mit *SaI* linearisiert worden war. Das DNA-Gemisch wurde mit T4-DNA-Ligase behandelt und das Ligationsgemisch zur Transformation von *E.coli* XH11 (Mountain et al. 1984) verwendet. Aus einer Kanamycin-resistenten und Succinat-prototrophen Transformante wurde das in Abb.11 dargestellte Plasmid pDM7 isoliert. *C.glutamicum* ATCC 13032 wurde mit dem Plasmid pDM7 transformiert. Nach Anzucht in MMYE-Medium (Katsumata et al. 1984) wurde, wie in der Britischen Patentanmeldung 8821319.4 beschrieben, der spezifische PEP-Carboxylase-Gehalt in der Transformante ATCC 13032/pDM7 und im Kontrollstamm ATCC 13032/pZ8-1 bestimmt. Der spezifische Gehalt an PEP-Carboxylase betrug bei Stamm ATCC 13032/pZ8-1 0.16 U/mg Protein und bei Stamm ATCC 13032/pDM7 3.00 U/mg Protein.

Literatur

- Arnold und Pühler (1988) *Gene* 70, 171ff
- Birch et al. (1985) *J. Gen. Microbiol.* 131, 1299ff
- 45 Birnboim und Doly (1982) *Nucl. Acids Res.* 7, 1513ff
- Bolivar et al. (1979) *Life Sciences* 25, 807ff
- Brosius et al. (1981) *J. Mol. Biol.* 148, 107ff
- Brosius (1984) *Gene* 27, 181ff
- Chang et al. (1978) *J. Bact.* 134, 1141ff
- 50 De Boer et al. (1983) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 78, 21ff
- Hanahan (1985) in Glover (ed.) *DNA cloning Vol.1*, IRL Press
- Heath et al. (1986) *Appl. Environ. Microbiol.* 51, 1138ff
- Katsumata et al. (1984) *J. Bacteriol.* 159, 306ff
- Kono et al. (1983) *Antimicrob. Agents Chemother.* 23, 508ff
- 55 Mariatis et al. (1982) *Molecular cloning*, Cold Spring Harbor Lab.
- Maxam und Gilbert (1980) *Methods Enzymol.* 65, 499ff
- Messing (1979) *Recomb. DNA Techn. Bull., NIH Publ.* 79-99, 2, 43ff
- Miwa et al. (1984) *Agric. Biol. Chem.* 48, 2901ff

- Morinaga et al. (1987) J. Biotech. 5, 305ff
 Mountain et al. (1984) Mol. Gen. Genet. 197, 82ff
 Norrander et al. (1983) Gene 26, 101ff
 Sanger et al. (1977) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74, 5463ff
 5 Santamaria (1984) J. Gen. Microbiol. 130, 2237ff
 Santamaria (1987) Gene 56, 199ff
 Staden (1986) Nucl. Acids Res. 14, 217ff
 Thierbach et al. (1988) Appl. Microbiol. Biotechnol. 29, 356ff

10

Ansprüche

1. Verfahren zur ortsspezifischen Mutagenese von DNA an den Restriktionsschnittstellen, dadurch gekennzeichnet, daß man die DNA isoliert, mit einem geeigneten Restriktionsenzym spaltet, die so
 15 behandelte DNA mit dem Hydroxylamin enthaltenden Mutageneseansatz mischt und bei erhöhter Temperatur inkubiert mit der Maßgabe, daß der DNA-Doppelstrang nicht oder nur im Bereich der Schnittstelle "aufschmilzt", anschließend die DNA nach an sich bekannten Methoden aufnimmt, mit einer Ligase behandelt, einen geeigneten Mikroorganismus mit der so mutierten DNA transformiert und die Transformanten isoliert.
- 20 2. DNA mit einer oder mehreren mutierten Restriktionsschnittstellen hergestellt nach dem Verfahren gemäß Anspruch 1.
3. DNA gemäß Anspruch 2 mit einer oder mehreren singulären Restriktionsschnittstellen in einem oder mehreren Resistenzgenen und/oder dem Replikon.
4. DNA gemäß den Ansprüchen 2 oder 3.
- 25 dadurch gekennzeichnet, daß es sich um ein Plasmid handelt.
5. Plasmid gemäß Anspruch 4, dadurch gekennzeichnet, daß der oder die für eine oder mehrere Resistenzen codierende(n) DNA-Abschnitt(e) (Resistenzgen(e)) von einem Transposon stammt.
6. Plasmid gemäß Anspruch 4,
- 30 dadurch gekennzeichnet, daß der oder die für eine oder mehrere Resistenzen codierende(n) DNA-Abschnitt(e) aus *Corynebacterium xerosis* M82B stammen.
7. Plasmid p2Hi4S gemäß Anspruch 4, enthaltend das die Tetracyclin- und Erythromycin-Resistenz tragende DNA-Fragment aus *C. xerosis* M82B, gekennzeichnet durch die in Abb. 14 wiedergegebene Restriktionskarte und hinterlegt in *C. glutamicum*
 35 ATCC 13032 unter der Bezeichnung DSM 5396.
8. Resistenzplasmid pCXM82B, enthaltend Resistenzen gegen Erythromycin, Chloramphenicol, Kanamycin und Tetracyclin, gekennzeichnet durch die in den Abb. 1a und 1b wiedergegebenen Restriktionskarten, enthalten in *C. xerosis* M82B und hinterlegt unter der Bezeichnung DSM 5021.
9. Plasmid bzw. DNA gemäß einem oder mehreren der Ansprüche von 2 bis 7,
- 40 dadurch gekennzeichnet, daß sie in Stämmen der Gattung *Corynebacterium*, *Brevibacterium* sowie davon abgeleiteten, Aminosäuren-ausscheidenden Mutanten repliziert werden.
10. Plasmid pCV34, gekennzeichnet durch die in Abb. 6a wiedergegebene Restriktionskarte und hinterlegt in *C. glutamicum* unter der Bezeichnung DSM 5025.
11. Plasmid pCV 36, gekennzeichnet durch die in Abb. 6b wiedergegebene Restriktionskarte und
 45 hinterlegt in *C. glutamicum* unter der Bezeichnung DSM 5026.
12. Plasmidvektor pCVX4 gekennzeichnet durch die in Abb. 7 wiedergegebene Restriktionskarte und hinterlegt in *C. glutamicum* unter der Bezeichnung DSM 5022.
13. Plasmidvektor pCVX10 gekennzeichnet durch die in Abb. 8 wiedergegebene Restriktionskarte und hinterlegt in *C. glutamicum* unter der Bezeichnung DSM 5023.
- 50 14. Plasmidvektor pCVX15 gekennzeichnet durch die in Abb. 8b wiedergegebene Restriktionskarte und hinterlegt in *C. glutamicum* unter der Bezeichnung DSM 5024.
15. Verwendung von Plasmiden nach einem oder mehreren der Ansprüche 2 bis 7 und 9 bis 14, zum Austausch von einem oder mehreren DNA-Segmenten, die mindestens eine oder mehrere Replikationsregion(en) und/oder Gene aufweisen, in Mehrkomponentenplasmiden gegen entsprechende
 55 DNA-Segmente, die sich von den genannten durch das Vorhandensein einer oder mehrerer singulärer Restriktionsschnittstellen unterscheiden.
16. Verwendung von Plasmiden gemäß Anspruch 15, dadurch gekennzeichnet, daß das oder die ausgetauschten Gene der Zelle eine oder mehrere Wirkstoffresi-

stensen verleihen.

17. Verwendung von Plasmiden gemäß einem oder mehreren der Ansprüche 2 bis 7 und 9 bis 14, dadurch gekennzeichnet, daß in die Plasmide zusätzlich ein oder mehrere Resistenzgen(e) und gegebenenfalls ein Expressionssignal inseriert wird (werden).

5 18. Plasmid pZ9 gemäß Anspruch 17, gekennzeichnet durch die in Abb. 9 wiedergegebene Restriktionskarte und hinterlegt in E.coli unter der Bezeichnung DSM 4938.

19. Plasmid pZ8-1 gemäß Anspruch 17, gekennzeichnet durch den tac-Promotor und den T1T2-Terminator des rrnB-Gens von E.coli und die in Abb. 10 wiedergegebene Restriktionskarte und hinterlegt in E.coli unter der Bezeichnung DSM 4939.

10 20. Plasmid pDM7 gekennzeichnet durch die in der Abb. 10 wiedergegebene Restriktionskarte.

21. Mikroorganismen der Gattungen Escherichia, Corynebacterium oder Brevibacterium, insbesondere deren Aminosäuren ausscheidenden Mutanten, die DNA oder ein Plasmid gemäß einem oder mehreren der Ansprüche 2 bis 7, 9 bis 14 und 18 bis 20 enthalten.

15

20

25

30

35

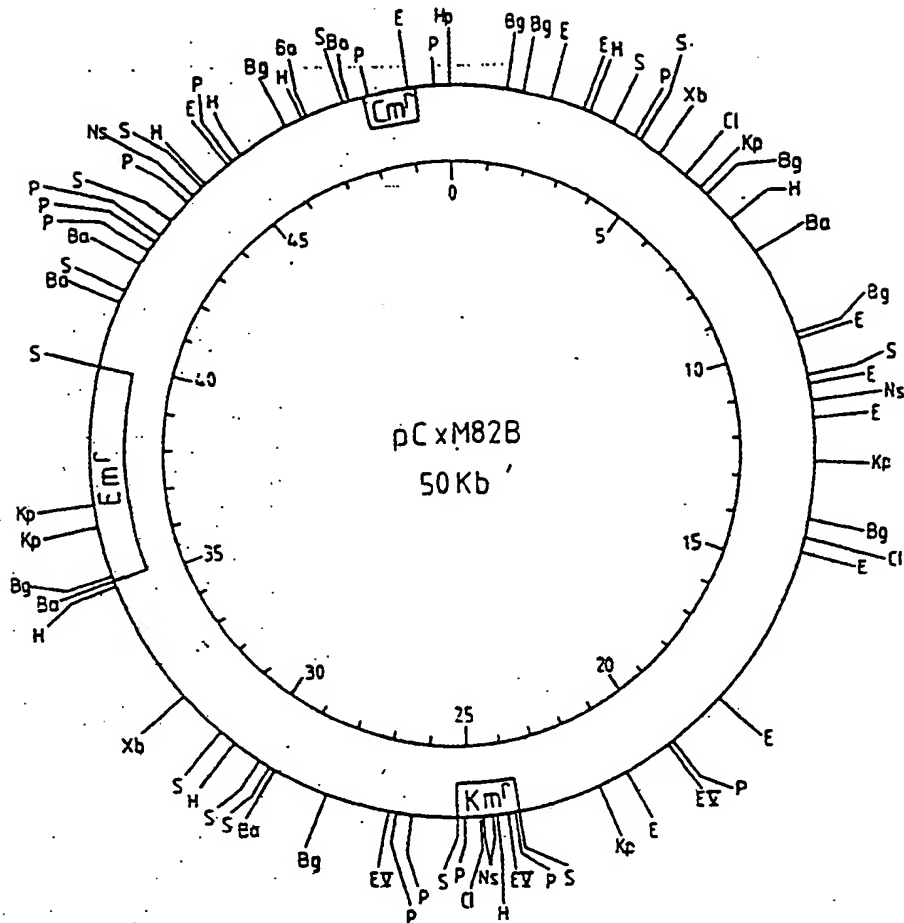
40

45

50

55

Zirkulär Restriktionskart des R-Plasmids pCXM82B aus *C.xerosis*



Die zirkuläre Karte von pCXM82B wurde durch die Feinkartierung überlappender Klone ermittelt. Eingezeichnet sind die Regionen der Resistenzgene (Cm^R : Chloramphenicol-, Km^R : Kanamycin- und Em^R : Erythromycin-Resistenz) und Restriktionsschnittstellen (Abkürzungen siehe Abb.2).

Abbildung 1b

Abbildung 2a

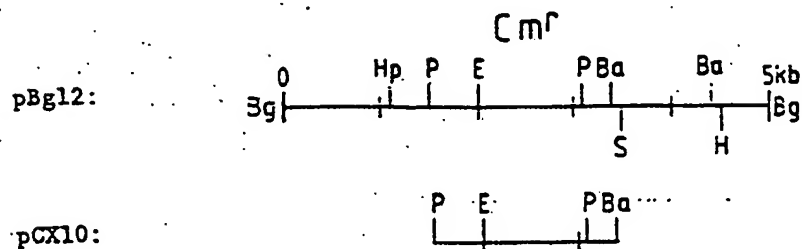
Restriktionskarten der *Chl* ramphenicol-Resistenz-vermittelnden DNA-Fragmente

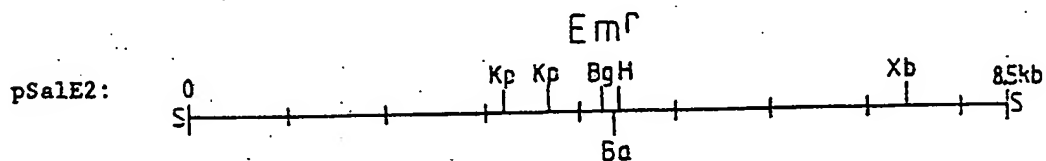
Abbildung 2b

Restriktionskarte des Kanamycin-Resistenz-vermittelnden DNA-Fragments



Abbildung 2c

Restriktionskarte des Erythromycin-Resistenz-vermittelnden DNA-Fragments



Die Restriktionsschnittstellen sind wie folgt abgekürzt:
 Ba:BamHI, Bg:BglII, Cl:ClaI, E:EcoRI, EV:EcoRV, H:HindIII,
 Hp:HpaI, Kp:KpnI, Ns:NsiI, P:PstI, S:SalI und Xb:XbaI.

Abbildung 2d

Restriktionskarte des Tetrazyklin- und Erythromycin-
Resistenz-vermittelnden DNA-Fragments

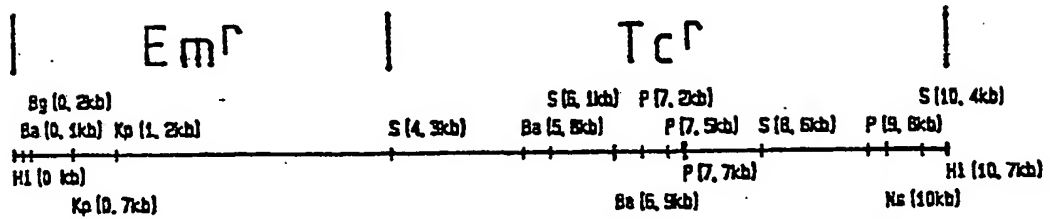
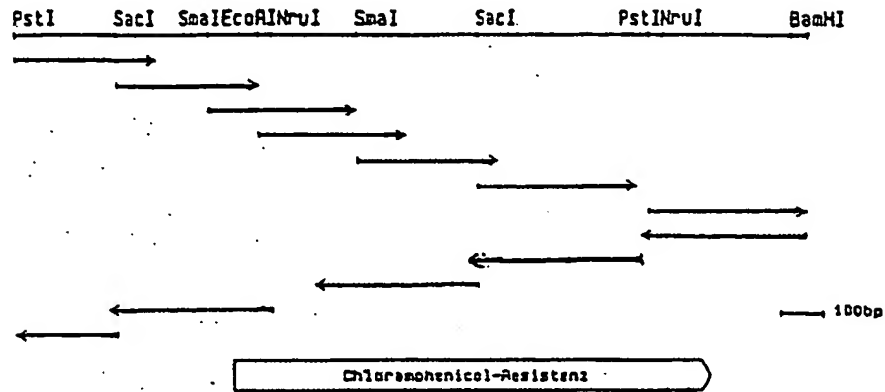


Abbildung 3a

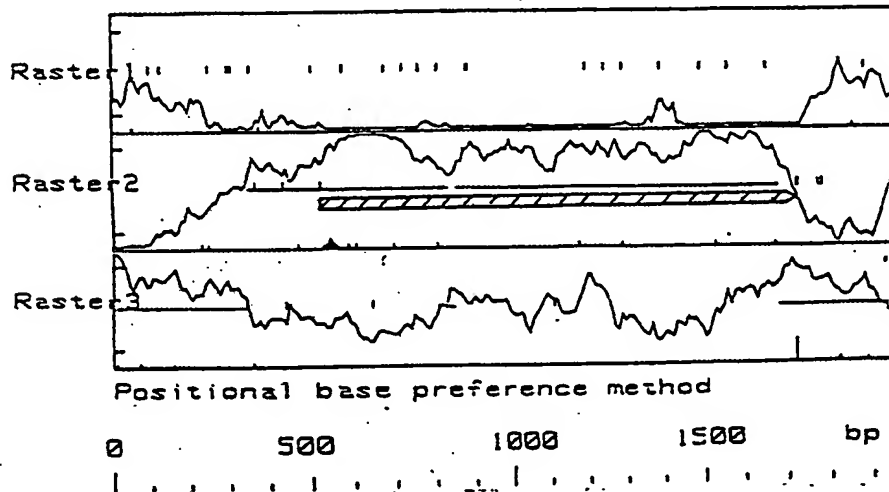
Sequenzierungsstrategie des Chloramphenicol-Resistenzgens



Die Pfeile geben den jeweils sequenzierten Bereich eines Subklons an. Die Lage des Resistenzgens ist eingezeichnet.

Abbildung 3b

Kodierbereichsanalyse des Chloramphenicol-Resistenzgen-tragenden DNA-Fragments



In die Ausgabe des Programms ANALYSEQ ist das Cm^R-Gen sowie sein Startcodon (A) eingezeichnet. Das darüberliegende Leseraster 2 hat über den Bereich 500-1700 die höchste Codierwahrscheinlichkeit.

Abbildung 4

Sequenz des Chloramphenicol-Resistenzgen-tragenden DNA-Fragments

Die Nukleotidsequenz des 1.9Kb PstI-BamHI-DNA-Fragments mit der abgeleiteten Aminosäuresequenz des Chloramphenicol-Resistenzgens.

CTGCAGGACATGGTCAAAGACCTCAACACCGAGCAGCTAAAGACCATCAGATGGACCAAGGGCCAGAAATGGCTGTCACAGCACAAGTC
10 20 30 40 50 60 70 80 90

CAGATTAAAGACGGCTGCCAAGTGTITTTCTGTGAACCGCACTCACCGTGGCAGAGACCAACCAACGAGAACACCAACGGCGAGATCAGG
100 110 120 130 140 150 160 170 180

CGCAGGTCTACAAAAAGGGCAGCGACTTTGGCAGCGTCACACCGAACATGTGGCTGGGTGCAAAATGAGCTCAACGAAACACCCGA
190 200 210 220 230 240 250 260 270

CAATCTCGCGGGCGCAACCCACGCTGAAATACTTAACGAATATTCAAGCGTGGCGCATCCACCGCTGATTCCGCCITGAAGGCATC
280 290 300 310 320 330 340 350 360

TTAGAGTTTGGGGCATGTGAGTTCCTCGAATCAGACAGGTCAGGGTGTGCGGTACACCGCCAGCGCGTTGAACCACTAGTTACGACGC
370 380 390 400 410 420 430 440 450

CCACGATCTGTGTGGCGTATGTCTGCCGTACCGGGCGCGTGGCGGTGGTGACAAGAAGAACATTCTTGATCTCACACCTCGGAGTA
460 470 480 490 500 510 520 530 540

MetProPheAlaLeuCysValLeuAlaLeuAlaValPheValMetGlyThrSerGluPheMetLeuAlaGlyLeuLeuProAlaIle
CTCGATGCCCTTTTGGCTCTGGCTGCTTGGCTAGCGGTCTTCTCATCGGCATTCAGAAATCATGCTCGCGGATGTCTCCCGCGAT
-->550 560 570 580 590 600 610 620 630

AlaThrGluLeuAspValSerValGlyThrAlaGlyLeuLeuThrSerAlaPheAlaValGlyMetValValGlyAlaProValValAla
CGCGACCGAACTTCAGTCTCGGTGGCAGTGGCGGCTGCTGACCTCCGCATTCCGAGTGGTATGGTGGTGGCGCGCCAGTGGTACG
640 650 660 670 680 690 700 710 720

AlaPheAlaArgArgTrpSerProArgLeuThrLeuIleValCysLeuLeuValPheAlaGlySerHisValIleGlyAlaMetThrPro
GGCATTGGCTGGCGTTGGTACCGCGGCTCAGATTGATCGTTTGGCTTCTCGTGTTCGGGGAAGCCAGCTCATCGAGCGATGACACC
730 740 750 760 770 780 790 800 810

ValPheSerLeuLeuLeuIleThrArgValLeuSerAlaLeuAlaAsnAlaGlyPheLeuAlaValAlaLeuSerThrAlaThrThrLeu
AGTGTCTCTCTCTCTCATCACCGGGTGTCTCAGCGCTCTCGCAACCGCAGGATTCTCGCGGTAGCACTGACGACGGCCACTACCT
820 830 840 850 860 870 880 890 900

ValProAlaAsnGlnLysGlyArgAlaLeuSerIleLeuLeuSerGlyThrThrIleAlaThrValValGlyValProAlaGlyAlaLeu
CGTGGCAGCGAACCAGAGGGCGTCACTGTGGATCTGCTCTCGGCAAGCAGATCGCAACCGTCTGGCGGTCCCGCGCGGGCACT
910 920 930 940 950 960 970 980 990

LeuGlyThrAlaLeuGlyTrpArgThrThrPheTrpAlaIleAlaIleLeuCysIleProAlaAlaValGlyValIleArgGlyValThr
CTCGGACAGCGCTGGGTGGCGAACCAGCTTCTGGCGCATCGGCATCTCTGATTCGCGCGGCTTGGAGTCAATCGTGGCTCAC
1000 1010 1020 1030 1040 1050 1060 1070 1080

AsnAsnValGlyArgSerGluThrSerAlaThrSerProArgLeuArgValGluLeuSerGlnLeuAlaThrProArgLeuIleLeuAla
GAACAATGTGTCGAGCGAGACTAGCGCGAGCTCACCAGGCTCGGTCTCGAGCTCAGCCAGTTGGCCAGCGCGCGGCTCATCTGGC
1090 1100 1110 1120 1130 1140 1150 1160 1170

Abbildung 4 (Fortsetzung)

MetAlaLeuGlyAlaLeuIleAsnGlyGlyThrPheAlaAlaPheThrPheLeuAlaProIleValThrGluThrAlaGlyLeuAlaGlu
 CATGGCACTCGGAGCGCTGATCAACGGAGGGACCTTTGGCGCAATCACCTTCCTGACCCATCGTGACCGAGACCGCGGGCTTGGCCGA
 1180 1190 1200 1210 1220 1230 1240 1250 1260

AlaTrpValSerValAlaLeuValMetPheGlyIleGlySerPheLeuGlyValThrIleAlaGlyArgLeuSerAspGlnArgProGly
 AGCGTGGGTCTCCGTCGGCGCTGGTGATGTTCCGGCATCGGATCGTTCTTGGCGTCAGGATCGCAGGACCGACTATCAGATCAACGACCTGG
 1270 1280 1290 1300 1310 1320 1330 1340 1350

LeuValLeuAlaValGlyGlyProLeuLeuLeuThrGlyTrpIleValLeuAlaValValAlaSerHisProValAlaLeuIleValLeu
 CCTCGTGCTCGCAGTCCGGCGGACCGCTATTGCTGACAGGGTGGATCGTTTGGCAGTGGTGGCATCTCATCCCGTTGGCGTTATCGTCTCT
 1360 1370 1380 1390 1400 1410 1420 1430 1440

ValLeuValGlnGlyPheLeuSerPheGlyValGlySerThrLeuIleThrArgValLeuTyrAlaAlaSerGlyAlaProThrMetGly
 CCTCCTCGTTCAGGATTCCTGTCGTTCCGGCTCGGCAGTACTCTGATCAGCGCTGTGCTGTATGCAGCATCGGGTGGCCCAACGATGGG
 1450 1460 1470 1480 1490 1500 1510 1520 1530

GlySerTyrAlaThrAlaAlaLeuAsnIleGlyAlaAlaAlaGlyProValLeuGlyAlaLeuGlyLeuAlaThrGlyLeuGlyLeuLeu
 C' TTCGTACGCAACCGCAGCATTGAATATCGGAGCTGCAGCGGGGGCCGTCGTTGCTGCGCTCGGGCTCGCGACCGGGCTGGGGCTGCT
 1540 1550 1560 1570 1580 1590 1600 1610 1620

AlaProValTrpValAlaSerValLeuThrAlaIleAlaLeuValIleMetLeuLeuThrArgArgAlaLeuThrLysThrAlaAlaGlu
 CGCGCCGGTTTGGGTCCGTTCCGTGCTGACAGCGATCGCTCTCTCATCATGCTTCTCACCAGACCGCGCTTACGAAGACCGCGCGGA
 1630 1640 1650 1660 1670 1680 1690 1700 1710

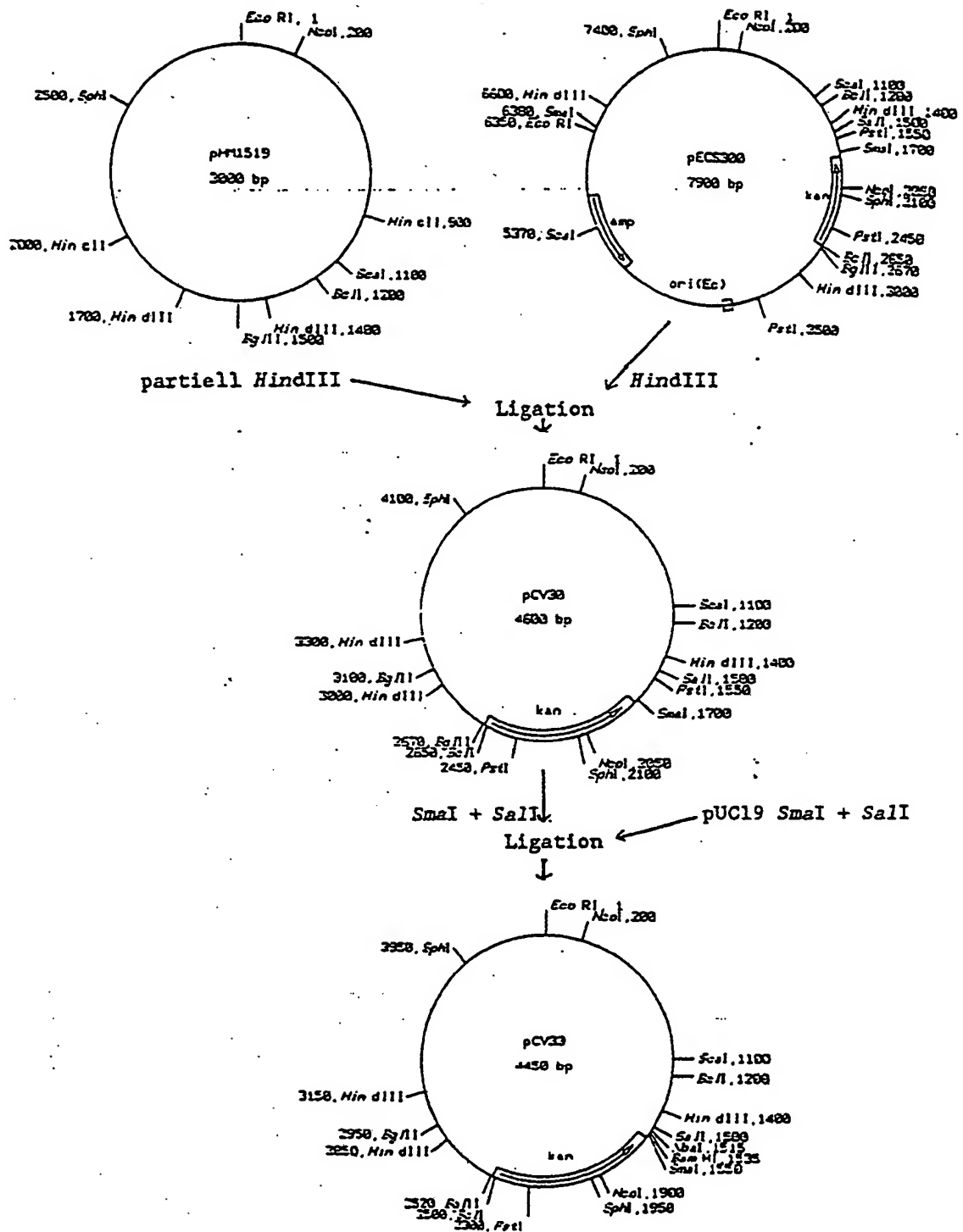
AlaAsn
 GGCCAAITGATGACCCATCGGAACGCTCTTCTCACTCCTCGTCCCGCTCTCCGTTAGCTCGGCTGATTGTCGAAGACGGCTATCCGCCC
 ->|->| 1730 1740 1750 1760 1770 1780 1790 1800

ACGATCGCCGCAAGATGTTTCATGGTCTCCCCGATCAGTCCCCGAAATGGGCAAGCCGCTACCGGGAAGAGGGTCAAGTTGGGATGCAG
 1810 1820 1830 1840 1850 1860 1870 1880 1890

GATCGCTCGCAGCAAGCCGACCGGATCC
 1900 1910

Die Nummerierung der Basen befindet sich unterhalb der Nukleotidsequenz. Die Aminosäuresequenz des Cm-Gens ist im 3-Buchstaben-Code angegeben. Die Ribosomenbinungsstelle ist durch (*) markiert. Am Ende der Kodierregion befinden sich 2 aufeinanderfolgende Stopcodons (->|)

Abbildung 5

Konstruktion von Vektoren für *Coryne*- und *Brevibakterien*

Die Abkürzungen bedeuten: amp: Ampicillin-, kan: Kanamycin-Resistenz, ori(Ec): Replikationsursprung für *E. coli*.

Abbildung 6a
Restriktionskarte des Plasmids pCV34

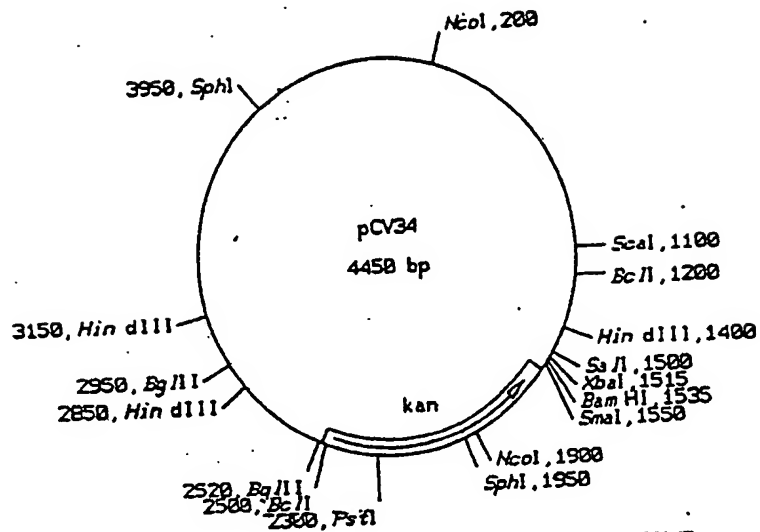
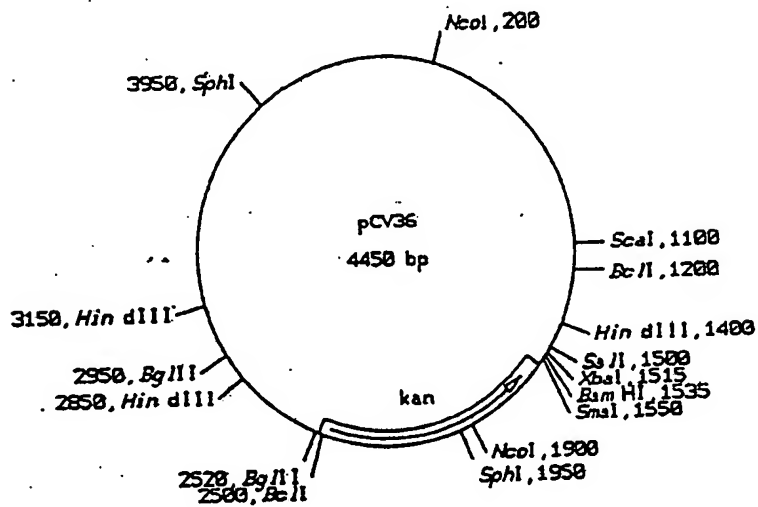
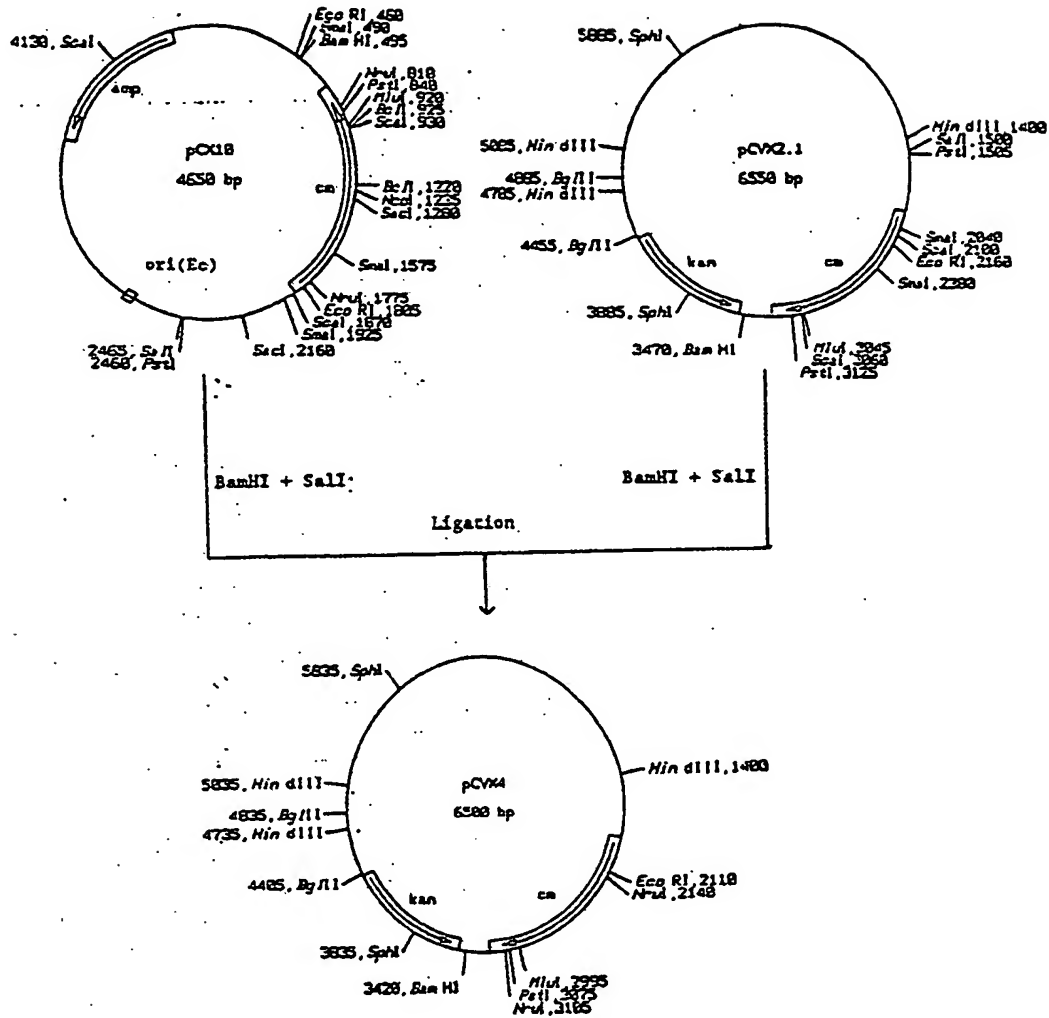


Abbildung 6b
Restriktionskarte des Plasmids pCV36



Abkürzungen: kan: Kanamycin-Resistenzgen

Abbildung 7
Konstruktion des Plasmidvektors pCVX4



Abkürzungen: amp: Ampicillin-, kan: Kanamycin-, cm:
Chloramphenicol-Resistenz, ori(Ec): Replikationsursprung für
E.coli

Abbildung 8a

Restriktionskarte des Plasmids pCVX10

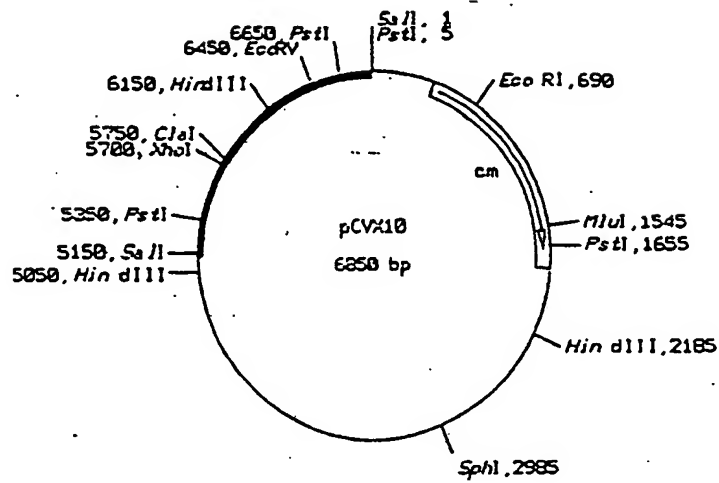
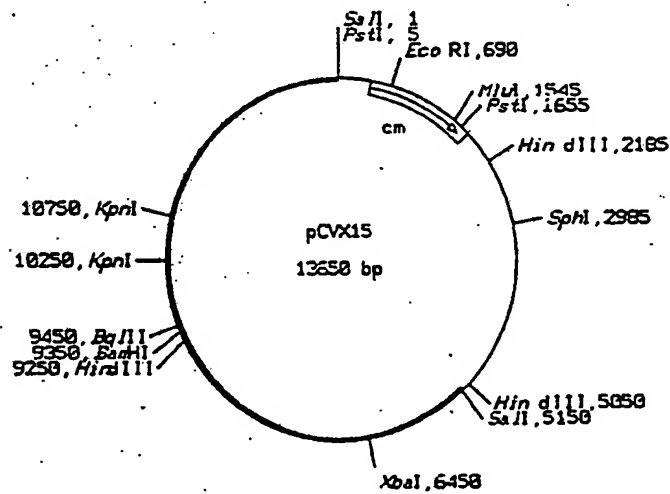


Abbildung 8b

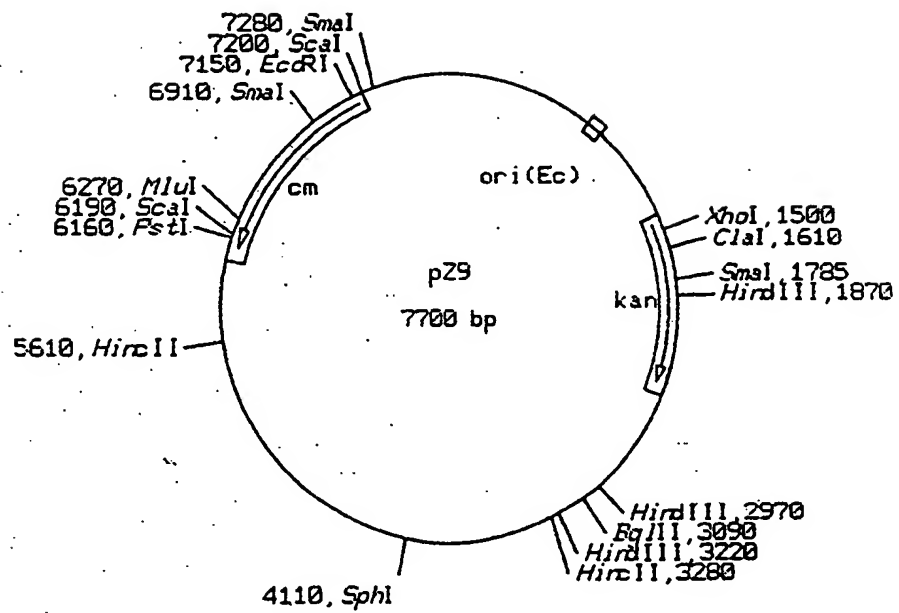
Restriktionskarte des Plasmids pCVX15



Abkürzungen: kan: Kanamycin-, cm: Chloramphenicol-, em: Erythromycin-Resistenz. Der fett gezeichnete Bereich entspricht jeweils dem DNA-Fragment, auf dem das Resistenzgen lokalisiert ist.

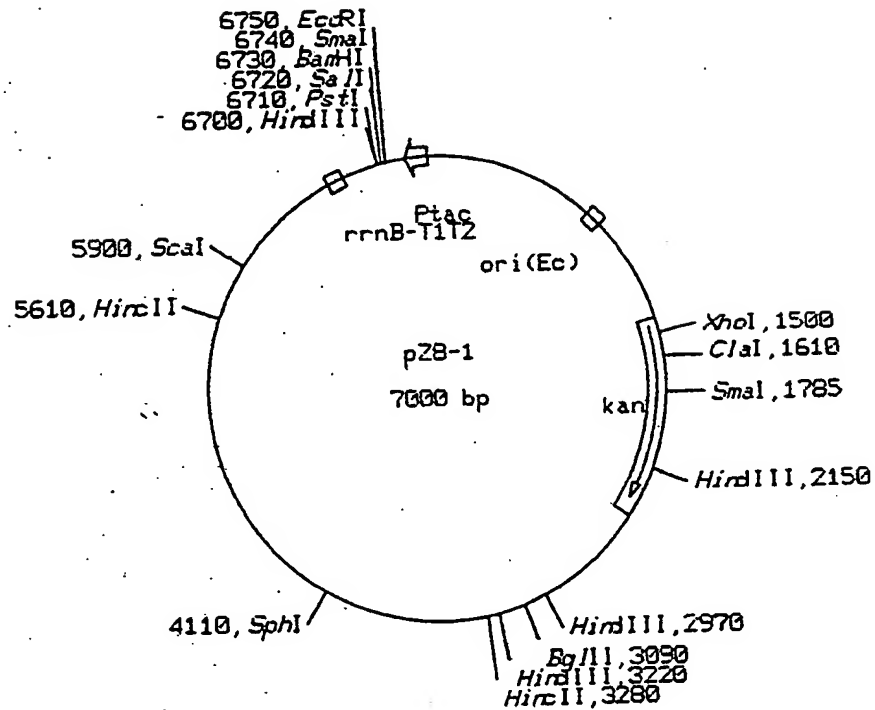
Abbildung 9

Restriktionskarte des Plasmids p29



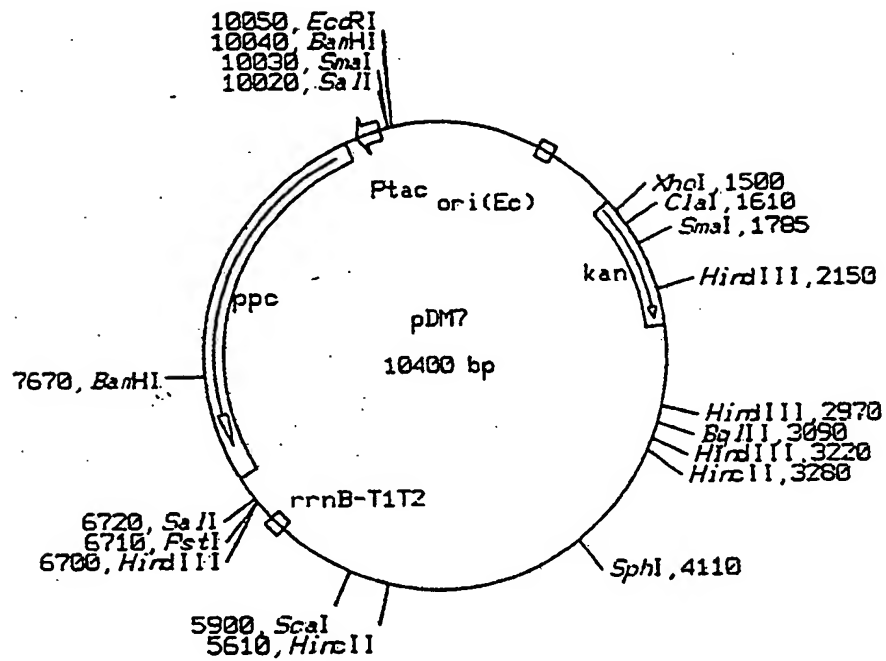
Abkürzungen: ori(Ec): Replikationsursprung für *E. coli*, cm: Chloramphenicol-, kan: Kanamycin-Resistenz.

Abbildung 10
Restriktionskarte des Expressionsplasmids pZ8-1



Abkürzungen: ori(Ec): Replikationsursprung für *E. coli*, kan: Kanamycin-Resistenz, Ptac: *tac*-Promotor, rrnB-T1T2: Terminator T1T2 des *rrnB*-Gens von *E. coli*.

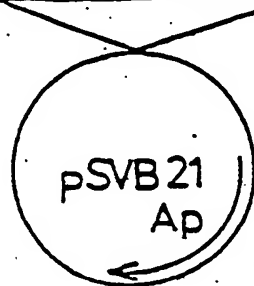
Abbildung 11
Restriktionskarte des Plasmids pDM7



Abkürzungen: ori(Ec): Replikationsursprung für *E.coli*, kan:
Kanamycin-Resistenz, Ptac: *tac*-Pr m t r, rrnB-T1T2:
Terminator T1T2 des rrnB-Gens v n *E.coli*.

EMBSPTII

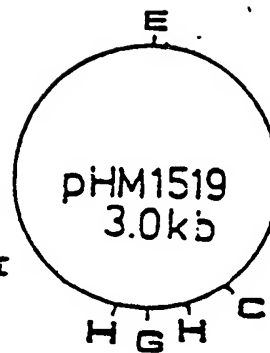
EP 0 375 889 A2



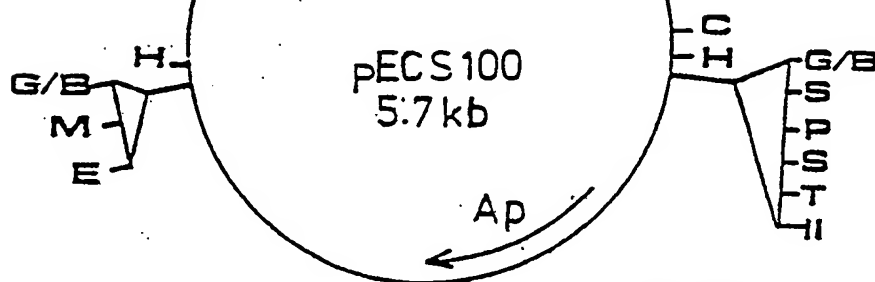
2.7 kb

BamHI

BglII



pHM1519
3.0 kb



pECS100
5.7 kb

Ap

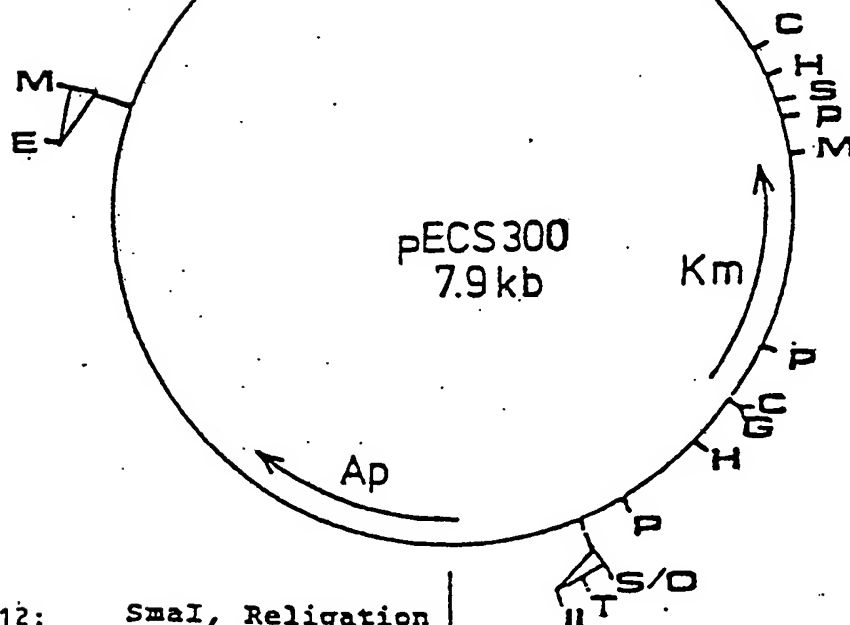
SalI

TnS-kan-Fragment

OP H G C P MS

SalI/XhoI

Km



pECS300
7.9 kb

Km

Ap

Abbildung 12:

SmaI, Religation

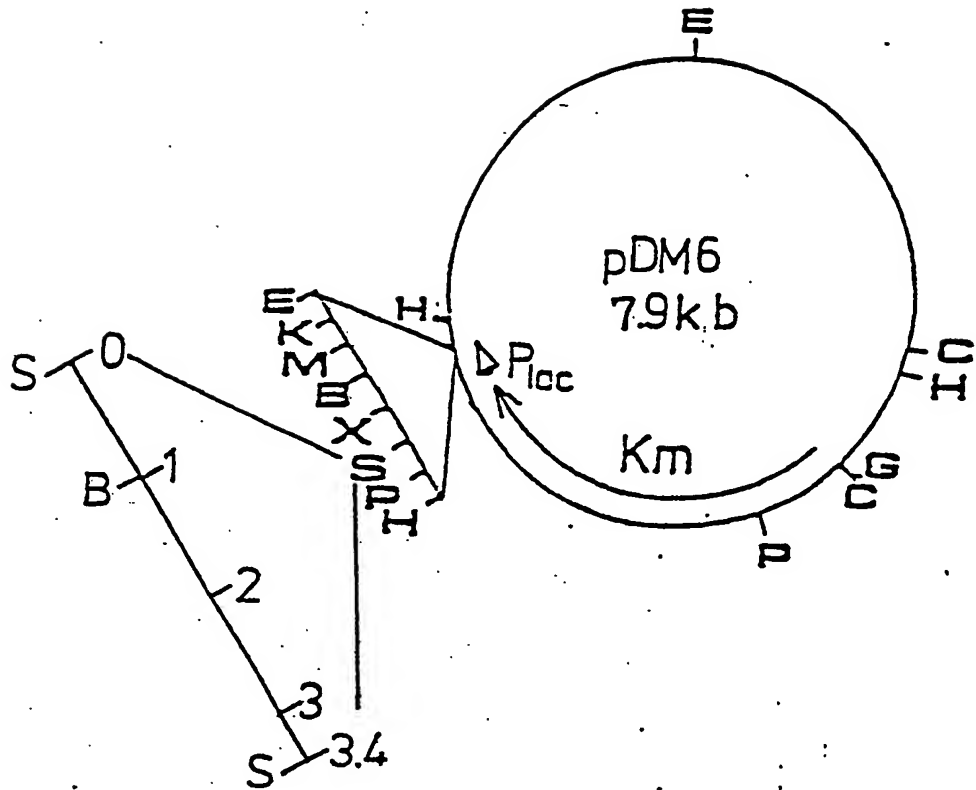


Abbildung 13: Restriktionskarte des Plasmids pDM6

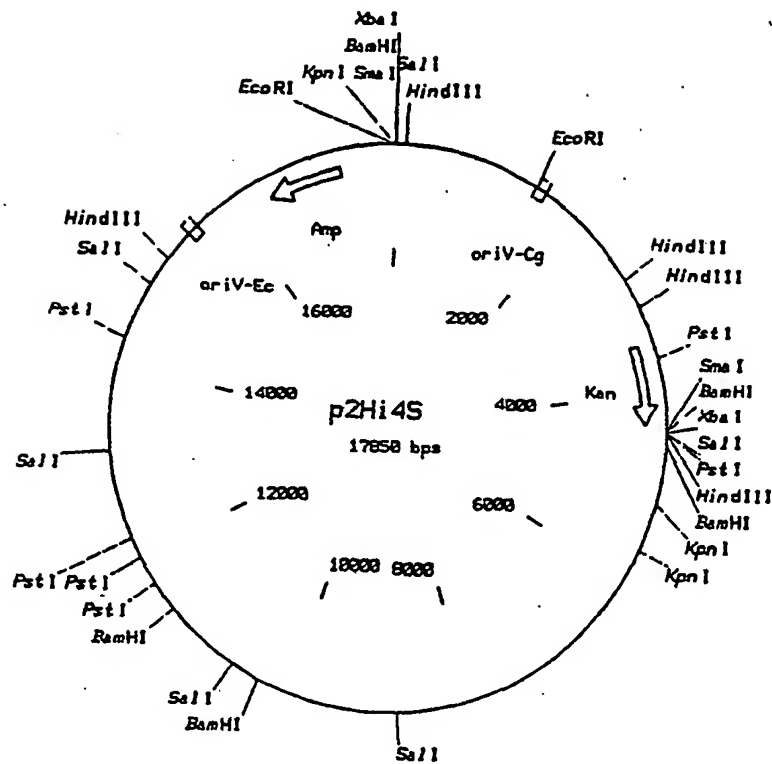


Abbildung 14

Restriktionskarte des E.coli-C.glutamicum-Pendelvektors p2Hi4S. Das Plasmid ist zusammengesetzt aus dem C.glutamicum-Vektor pCV33 (1-4500 bp), dem die Tetracyclin- und die Erythromycin-Resistenz tragenden DNA-Fragment aus C.xerosis M82B (4500-15200 bp) und dem E.coli-Vektor pUC19 (15200-17850 bp). Es vermittelt in E.coli Resistenz gegen Ampicillin (Amp), Kanamycin (Kan) und Erythromycin und in C.glutamicum Resistenz gegen Kanamycin, Tetracyclin und Erythromycin. Die Resistenzgene, deren genaue Lage bekannt ist, sind durch Pfeile gekennzeichnet. Die Replikationsursprünge für E.coli (oriV-Ec) und C.glutamicum (oriV-Cg) sind durch Kästchen hervorgehoben.